

РАЗНОВИДНОСТИ СЦЕПЛЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ С ЦЕЛЕВЫМ ГЕНОМ И ЛОКУСАМИ ХРОМОСОМ

Ю. В. Чесноков

ФГБНУ «Агрофизический научно-исследовательский институт»,
195220, Санкт-Петербург, Гражданский пр., 14
E-mail: yuv_chesnokov@agrophys.ru

Поступила в редакцию 19 марта 2018 г., принята к печати 28 мая 2018 г.

Картирование локусов количественных признаков (quantitative trait loci, QTL) и установление ассоциаций «маркер-ген» являются одними из важнейших инструментов в молекулярно-генетических исследованиях. С их помощью становится возможным не только идентифицировать и локализовать на группах сцепления локусы хромосом и гены, определяющие изучаемые признаки, но и устанавливать их взаиморасположение. Однако следует учитывать, что сцепление маркера с целевым геном или локусом хромосомы может быть разным из-за различий статистически значимого взаимодействия «маркер-ген». В статье рассматриваются три основных типа полиморфных генетических маркеров. Прямые маркеры (direct, D) маркируют локусы, кодирующие различного рода функциональные гены или мутации. Такие маркеры, если они являются молекулярными, располагаются непосредственно в желаемом гене. Вторая разновидность маркеров — это маркеры неравновесного сцепления (linkage disequilibrium, LD). Они маркируют хромосомные локусы или гены, находящиеся в популяции в неравновесном сцеплении с функциональным геном или мутацией (морфологические маркеры), биохимическим продуктом маркерного гена (биохимические маркеры) или ДНК-маркером (молекулярные маркеры). Третью разновидность составляют маркеры равновесного сцепления (linkage equilibrium, LE). Они маркируют локусы, находящиеся в популяции в равновесном сцеплении с функциональным геном или мутацией (морфологические маркеры), биохимическим продуктом маркерного гена (биохимические маркеры) или ДНК-маркером (молекулярные маркеры). На основании классификации данных типов маркеров делаются выводы о возможности их применения для решения генетико-селекционных задач, а также о пригодности различных типов молекулярно-генетических маркеров для скрининга генетических ресурсов растений, включая ДНК-генотипированные линии и образцы.

Ключевые слова: генетические маркеры, типы сцепления, взаимодействие «маркер-ген».